



分布型流出・水温モデルを利用した水生生物の生息場および生物多様性の評価

著者	糠澤 桂
号	57
学位授与機関	Tohoku University
学位授与番号	工博第4829号
URL	http://hdl.handle.net/10097/62059

氏 名	ぬかざわ けい
授 与 学 位	名 糠 澤 桂 博士 (工学)
学 位 授 与 年 月 日	平成 25 年 3 月 27 日
学位授与の根拠法規	学位規則第 4 条第 1 項
研究科, 専攻の名称	東北大学大学院工学研究科 (博士課程) 土木工学専攻
学 位 論 文 題 目	分布型流出・水温モデルを利用した水生生物の生息場および生物 多様性の評価
指 導 教 員	東北大学教授 風間 聡
論 文 審 査 委 員	主査 東北大学教授 風間 聡 東北大学教授 大村 達夫 東北大学教授 田中 仁

論文内容要旨

地球圏-生物圏国際共同研究計画 (IGBP: International Geosphere-Biosphere Programme) によれば, 生態系と水循環の関係を説明する実用的かつ予測能力を持つモデルの構築が主要な国際的研究目標とされている。また, 2010 年名古屋で開催された CBD (生物多様性条約) /COP10 では, 生物多様性の国際的保全・持続的利用を主要な目標としている。IPCC 第 4 次評価報告書によれば, 気温や降水量など気象条件の将来的な変化が予想されている。このため, 陸水の水文過程が変遷した場合に河川生物の生息環境や生物多様性が受けるインパクトを定量的に把握する必要がある。生息環境を定量的に評価する手法として, HEP (Habitat Evaluation Procedure) がしばしば用いられている。HEP は, 流水の生物は各々の環境条件に適した生息域に分布していると仮定する評価手法である。河川の環境条件において, 水温は, 水生生物の呼吸・生長・繁殖 (増殖) に著しい影響を持つ。気候変動に伴い河川水温の変化が予測されるため, 今後の環境影響評価やミティゲーションのため, 河川水温の変動に伴う水生生物の応答を把握しておく必要がある。また, 緯度や標高等の広域地理情報と遺伝的多様性の関係性から生物の環境適応・移住を論ずる学問分野である景観遺伝学 (Landscape genetics) の研究が近年行われつつある。しかし, 遺伝的多様性の広域分布や気候変動に伴う変化を予測する手法はほとんど開発されていないのが現状である。加えて, 生物多様性科学国際共同研究計画 (DIVERSITAS: International Programme of Biodiversity Science) により, 生物多様性の国際的な保全・利用活動に貢献するために, 様々な時空間スケールにおいて種・遺伝的多様性の変化パターンを理解することが今後の国際的な最優先研究事項の一つに設定されている。本研究では, 宮城県の名取川流域における分布型流出・水温モデルと数値地図情報, 土地被覆データを用いて水生生物の生息環境及び生物多様性を評価した。

淡水魚や水生昆虫を含む 15 分類群の生息場適性指数 (HSI: Habitat Suitability Index) モデルを構築し, 生息環境を定量的に評価した。構築された HSI に関しては, 実際の生息確認情報との整合性を検証した。加えて, 一部の分類群において年間における生息場適性度の変動を, 流域全域の適性面積の割合を表す WUR (Weighted Usable Ratio) により示し, 水生生物の生活史と比較して考察した。水生昆虫 9 分類群の HSI に関しては, 形態学的な生活様式による分類である生活型を考慮して考察した。ヤマメの HSI は上流端や支流において高く表現された。これは, ヤマメが冷水性の淡水魚であり, 溪流などの流れの速い環境にも対応出来ることから理解出来る。平成 14 年の河川水辺の国勢調査においては, アユの生息が頻繁に確認された中流河川において HSI が増加していた。コイの HSI は, 集水面

積の大きい主流において適性が小さく表現された。対象とした6分類群の検証の結果、ヤマメ、アユ、コイは高い正答率 T の値を示した ($T=0.90\sim0.95$) が、ゲンジボタル、ヘイケボタル、カエル類の値は相対的に低く示された ($T=0.62\sim0.80$)。ヤマメの WUR は9月から上昇を始め、11～翌年5月にピークを迎えた。ヤマメが産卵を行う時期の9～11月は WUR が増加傾向を示す時期と一致する。アユとコイは似た傾向を示した。10～翌年3月の期間において WUR が減少し、4月から増加、6～9月にピークを迎えた。アユの実際の生活史は、9～10月に産卵を行い、孵化後直ちに海に下る。河川への遡上が始まるのは翌年4～6月である。この結果は、説明変数に水温を加味したことによって、アユの両側回遊が WUR の変動により予測され得ることを示している。カエル類の WUR は11～翌年3月に減少している。ニホンアカガエルとトウキョウダルマガエルは冬期に冬眠する。冬眠期は対象種の生息適性は減少すると考えられ、水温を加味した WUR の年間変動によりこの傾向を表現可能と考える。9分類群の水生昆虫に関して、説明変数に HSI、目的変数に個体群密度とする単回帰分析を行い、決定係数 R^2 および統計的有意性 (p 値) に基づいて HSI を検証した。決定係数が高く、統計的有意性を示した ($P<0.05$) 6分類群について、HSI 空間分布パターンを表現して生息環境を評価した。造網型に属するウルマーシマトビケラ (以下、ウルマー) とヒゲナガカワトビケラ (以下、ヒゲナガ) において、共に高い HSI を示すエリアが流域の広範囲に分布し、HSI の空間分布パターンに類似性が確認された。しかし、掘潜型について、フタスジモンカゲロウ (以下、フタスジ) とユスリカ科の HSI において異なる空間分布パターンを示した。生活型が同じ分類群間における HSI の空間分布パターンや WUR に差異が生じる理由として、局所地形や水理条件以外の、水温環境、餌環境、種間競争など他の要因が生息適性度に影響していることが考えられる。

4 種水生昆虫の流域全域における環境適応パターンを評価した。水生昆虫の遺伝子座ごとに、遺伝的データから算出した対立遺伝子頻度を目的変数、水理・水温データと数値的地理データおよび土地利用データを説明変数として、重回帰モデルを構築した。有意な重回帰モデルに基づいて推定された対立遺伝子頻度を用いて、遺伝的多様性と遺伝集団 (UPGMA クラスタ) の流域内空間分布を図示した。流出・水温シミュレーションから計算された水理・水温変数と地理・地勢変数の空間的変動と、対象種の環境選択性遺伝マーカー (non-neutral loci) における遺伝子の変動の関係を評価した。環境選択性遺伝マーカーにおける遺伝子の変化を表す遺伝的変動は、地理・地形的要因の代りに、局地的環境の影響により生じると仮定している。このため、本研究の環境選択性遺伝マーカーを用いた広域シミュレーション手法により、環境適応プロセスから生じた遺伝的変動を正確に予測出来ると考えた。観測値である4種水生昆虫の環境選択性遺伝マーカーにおける遺伝子頻度と、20項目の環境変数の関係を調べた結果、ウルマーとヒゲナガにおいて年間最高水温と、フタスジにおいて水理年間変動要素との間に強い相関関係が確認された。ウルマーとヒゲナガの多くの環境選択性遺伝マーカーにおいて確認された年間最高水温の遺伝子頻度との強い相関は、高水温環境がこれら2種の局所環境適応に寄与する割合の高い事実を示唆した。既往研究において、高水温域における飼育時にヒゲナガの生残率の減少が報告されている。従って、水生昆虫の羽化や致死に影響を及ぼす極端な水温条件下において、その環境に適応可能な遺伝子型を有する個体のみが生息出来ることが仮説として考えられる。ウルマーとヒゲナガにおいて、水温の高い下流域にて、上流域と異なる遺伝子型を有する遺伝集団が分布することおよび、遺伝的多様性の低いことをこの仮説により説明出来る。フタスジの重回帰モデルは高い重決定係数により構築された ($R^2=0.32\sim0.98$)。モデルにおいて、水理変動要素が多くの環境選択性遺伝マーカーにて説明変数として選択された。この結果は、局所的な流勢の時間的変動が、本種における流域スケールの環境適応パターンを決定づけている事実を示唆する。フタスジの遺伝集団は、本流集団と支流集団に分類された。規模の大きい出水は、しばしば河川底生生物を生息場である河床ごと剥離、流下させるかく乱作用を有する (Catastrophic drift)。一般的に、集水面積の大きい主

流河川において、支流と比べて出水による流量の増加は大きい。このため、支流において洪水が起きた際に、本種のかく乱および流下が本流と比べて発生しにくいと推測される。このため、主流において出水による淘汰が個体群を減少させ、遺伝子プールが減少した結果、遺伝的多様性が低下したと考える。

最後に水生生物の種多様性と遺伝的多様性の関係性を評価した。種多様性は6分類群のHSIモデルを使用して算出した種多様性（以下、HSI 種多様性）を使用した。HSI 種多様性と4種水生昆虫の遺伝的多様性の関係性を評価した。その後、目的変数を遺伝的多様性、説明変数をHSI 種多様性とする有意な線形回帰モデルを構築した。この線形回帰モデルに基づき、流域内の遺伝的多様性空間分布を示した。HSI 種多様性とウルマーの遺伝的多様性は、既往文献における最も一般的な両多様性の相関パターンと同様に正の相関を示した。これは、HSI を算定した6種水生生物に適した生息環境において、ウルマーは多様な遺伝子を有している事実を示す。正の相関が導かれた要因として、HSI 種多様性の高い場所における種の移入・定着ポテンシャルの高さが考えられる。HSI 種多様性の高い場所は、止水性・流水性トンボやホタルなど異なる環境を選好する種のHSIの高い環境であるため、多様な水生生物種の移入・定着ポテンシャルの高い地点と推測される。この場所において、ウルマー個体群の入れ替わりが活発になると考えられるため、遺伝子流動が増加する。これにより、最終的に対象種の遺伝的多様性の増加した事実が示唆される。HSI 種多様性と遺伝的多様性指標の単回帰式について、2地点において統計的に有意な外れ値（残差）が確認された。これは、観測された遺伝的多様性が単回帰モデルによる予測値に比べて有意に低い（地点A）もしくは高い（地点B）ことを示している。地点Aにおいて、上流に位置する大倉ダムの河川分断効果により、上流からの対象種の移住が困難である場合、遺伝子の供給効果が小さいと推測される。このため、対象種のダム下流個体群が世代を通じて上流の個体群と交流する機会が減少し、同一個体群内における近親交配が進行したため、遺伝的多様性の低下した事実が示唆される。地点Bにおいて、ウルマー生息範囲の最上流端かつその上流に近縁種であるシロズシマトビケラが生息している。これら2種は河道において縦断的に棲み分けすることが知られている。このため、上流に生息するウルマー個体群において、そのさらに上流に棲むシロズシマトビケラ個体群と交雑して、遺伝的多様性の増加した可能性がある。以上より、これら2地点は、既往研究における種多様性と遺伝的多様性に独立して影響する要因（ie., 環境異質性、移入・定着ポテンシャル）とは別のHSI 種多様性と関連付けることが出来ない外因的要素による変動の影響があると仮定し、単回帰モデルから除外した。外れ値を除外した単回帰モデルより、遺伝的多様性空間分布を推定した。推定された遺伝的多様性空間分布図において、流域全体としてみると中流域と支流において遺伝的多様性が高く表現されている。これは、既往研究における観測データの縦断分布と同様の傾向である。しかし、作成された分布図は、環境選択性遺伝マーカーを用いて重回帰モデルにより確定されたものと上流域において異なる傾向を示した。これは、HSI 種多様性の算定に使用した分類群の中に源流～上流を選好して生息する分類群が存在しないことが要因と考える。

論文審査結果の要旨

水生生物は河川環境の重要な指標であると同時に容易に収集可能であるにも関わらず、水生生物を用いた流域環境や流域全域の生物多様性について定量的に評価する手法は開発されてこなかった。本論文は、シミュレーションの結果による水理と水文量、水温、数値地図情報を組み合わせて、流域の種多様性と遺伝的多様性を定量的に推定する手法を開発した。

論文は全9章よりなる。

第1章は序論であり、既往研究から本論文の位置づけと独自性を記述している。

第2章は研究対象領域である名取川流域について説明している。

第3章では、水生生物生息場推定のために用いた基礎データについて記述している。

第4章では、本研究で対象として水生生物について、性質や収集方法、遺伝子について概説している。

第5章は、利用した分布型流出・水温モデルについて説明している。従来のプログラムを再検討し、精度の向上をはかった。本モデルは、水資源や流域熱環境にも利用できる工学上有用なモデルである。

第6章では、水生生物が存在する地点の水理・水文、地理、水温の適性指数 (SI: Suitable Index) を求め、その相乗平均より生息適性指数 (HSI: Habitat Suitable Index) を推定し、流域内の水生生物生息地図と生息適性面積率を示した。水温を用いた水生生物生息場推定は稀有な成果であり、気候変動による水生生物環境の地域毎の影響を考察することが可能になり、工学上、重要な成果である。

第7章は、6章と同様のデータと水生生物の遺伝的多様性を示すヘテロ接合度と遺伝距離を求め、両結果を地図上に表示し、流域内遺伝的多様性を推定することに初めて成功した。この成果によって、流域環境から広域の遺伝的多様性分布と、環境変化に伴う遺伝的多様性の変化を予測できるようになり、工学的に極めて重要な成果である。

第8章では、6章と7章を組み合わせ、HSIによる種多様性と遺伝的多様性を比較し、その相関関係を広域から見出した。本結果は、両多様性の関係を広域から示した世界でも初めての成果である。本成果によって、生物多様性を確保するような地理条件が理解された。

第9章は結論である。

以上要するに本論文は、流出・水温モデルを利用し、水生生物環境を、種多様性、遺伝的多様性の分布情報を提供することに成功し、流域内の両多様性の関係を初めて示した。本研究の成果は、人間活動や気候変動により影響を受ける流域環境を保全する政策に大きく貢献できるものである。

よって、本論文は博士（工学）の学位論文として合格と認める。